

Figure 1A

Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot, while a dash (-) indicates a nonexistent nucleotide.

```

      *      20      *      40      *
Seqid1 : ATGAAAACAACCGACAAACGGACAACCGAAACACACCGCAAAGCCCCGAA : 50
Seqid3 : ..... : 50

      60      *      80      *      100
Seqid1 : AACCGGTCGCATCCGCTTCTCGCCTGCTTACTTAGCCATATGCCTGTCGT : 100
Seqid3 : .....C..... : 100

      *      120      *      140      *
Seqid1 : TCGGCATTCTTCCCCAAGCCTGGGCGGGACACACTTATTTTCGGCATCAAC : 150
Seqid3 : ..... : 150

      160      *      180      *      200
Seqid1 : TACCAATACTATCGCGACTTTGCCGAAAATAAAGGCAAGTTTGCAGTCGG : 200
Seqid3 : ..... : 200

      *      220      *      240      *
Seqid1 : GGCGAAAGATATTGAGGTTTACAACAAAAAAGGGGAGTTGGTCGGCAAAT : 250
Seqid3 : ..... : 250

      260      *      280      *      300
Seqid1 : CAATGACAAAAGCCCCGATGATTGATTTTCTGTGGTGTTCGCGTAACGGC : 300
Seqid3 : ..... : 300

      *      320      *      340      *
Seqid1 : GTGGCGGCATTGGTGGGCGATCAATATATTGTGAGCGTGGCACATAACGG : 350
Seqid3 : ..... : 350

```

Figure 1B

```

          360      *      380      *      400
Seqid1 : CGGCTATAACAACGTTGATTTTGGTGCGGAGGGAAGCAATCCCGATCAGC : 400
Seqid3 : .....A.....A.....A. : 400

          *      420      *      440      *
Seqid1 : ACCGTTTTTCTTATCAAATTGTGAAAAGAAATAATTATAAAGCAGGGACT : 450
Seqid3 : .T.....A.....A.....C.G..... : 450

          460      *      480      *      500
Seqid1 : AACGGTCATCCTTATGGTGGCGATTATCATATGCCGCGTTTACATAAATT : 500
Seqid3 : ..A..C..... : 500

          *      520      *      540      *
Seqid1 : TGTAACCGATGCAGAACCTGTTGAAATGACCAGTTATATGGATGGGCGGA : 550
Seqid3 : ...C..A..... : 550

          560      *      580      *      600
Seqid1 : AATATATCGATCAAAATAATTACCCTGACCGTGTTTCGTATTGGGGCAGGC : 600
Seqid3 : ..... : 600

          *      620      *      640      *
Seqid1 : AGGCAATATTGGCGATCTGATGAAGATGAGCCCAATAACCGCGAAAGTTC : 650
Seqid3 : ..... : 650

          660      *      680      *      700
Seqid1 : ATATCATATTGCAAGTGCGTATTCTTGGCTCGTTGGTGGCAATACCTTTG : 700
Seqid3 : ..... : 700

          *      720      *      740      *
Seqid1 : CACAAAATGGATCAGGTGGTGGCACAGTCAACTTAGGTAGTGAAAAAATT : 750
Seqid3 : ..... : 750
```

Figure 1C

```

              760          *          780          *          800
Seqid1 : AAACATAGCCCATATGGTTTTTTTACCAACAGGAGGCTCATTGGCGACAG : 800
Seqid3 : ..... : 800

              *          820          *          840          *
Seqid1 : TGGCTCACCAATGTTTATCTATGATGCCCAAAAGCAAAAGTGGTTAATTA : 850
Seqid3 : ..... : 850

              860          *          880          *          900
Seqid1 : ATGGGGTATTGCAAACGGGCAACCCCTATATAGGAAAAAGCAATGGCTTC : 900
Seqid3 : ..... : 900

              *          920          *          940          *
Seqid1 : CAGCTGGTTCGTAAAGATTGGTTCTATGATGAAATCTTTGCTGGAGATAC : 950
Seqid3 : ..... : 950

              960          *          980          *          1000
Seqid1 : CCATTTCAGTATTCTACGAACCACATCAAAATGGGAAATACACTTTTCACG : 1000
Seqid3 : .....G.....T....A... : 1000

              *          1020          *          1040          *
Seqid1 : ACAATAATAATGGCACAGGAAAAATCAATGCCAAACATGAACACAATTCT : 1050
Seqid3 : ..G..... : 1050

              1060          *          1080          *          1100
Seqid1 : CTGCCTAATAGATTAAAAACACGAACCGTTCAATTGTTTAATGTTTCTTT : 1100
Seqid3 : ..... : 1100

              *          1120          *          1140          *
Seqid1 : ATCCGAGACAGCAAGAGAACCTGTTTATCATGCTGCAGGTGGTGTCAACA : 1150
Seqid3 : ..... : 1150
```

Figure 1D

```

          1160          *          1180          *          1200
Seqid1 : GTTATCGACCCAGACTGAATAATGGAGAAAAATATTTTCCTTTATTGACGAA : 1200
Seqid3 : ..... : 1200

          *          1220          *          1240          *
Seqid1 : GGAAAAGGCGAATTGATACTTACCAGCAACATCAATCAAGGTGCTGGAGG : 1250
Seqid3 : ..... : 1250

          1260          *          1280          *          1300
Seqid1 : ATTATATTTCCAAGGAGATTTTACGGTCTCGCCTGAAAATAACGAAACGT : 1300
Seqid3 : ..... : 1300

          *          1320          *          1340          *
Seqid1 : GGCAAGGTGCGGGCGTTCATATCAGTGAAGACAGTACCGTTACTTGAAAA : 1350
Seqid3 : ..... : 1350

          1360          *          1380          *          1400
Seqid1 : GTAAACGGCGTGGCAAACGACCGCCTGTCCAAAATCGGCAAAGGCACGCT : 1400
Seqid3 : ..... : 1400

          *          1420          *          1440          *
Seqid1 : GCACGTTCAAGCCAAAGGGGAAAACCAAGGCTCGATCAGCGTGGGCGACG : 1450
Seqid3 : ..... : 1450

          1460          *          1480          *          1500
Seqid1 : GTAAAGTTATTTTAGATCAACAAGCAGATGAAAATAATAAAAAACAAGCC : 1500
Seqid3 : ...C...C...G...G...G...C...T...AGGC..... : 1500

          *          1520          *          1540          *
Seqid1 : TTTAGTGAAATCGGCTTGGTCAGCGGCAGGGGTACGGTGCAACTGAATGC : 1550
Seqid3 : ..... : 1550
```

Figure 1E

```

      1560      *      1580      *      1600
Seqid1 : CGATAATCAGTTCAACCCCGACAAACTCTATTTTCGGCTTTTCGCGGCGGAC : 1600
Seqid3 : ..... : 1600

      *      1620      *      1640      *
Seqid1 : GTTTGGATTTGAACGGGCATTTCGCTTTTCGTTCCACCGTATTCAAAATACC : 1650
Seqid3 : .....A..... : 1650

      1660      *      1680      *      1700
Seqid1 : GATGAAGGGGCGATGATTGTCAACCACAATCAAGACAAAGAATCCACCGT : 1700
Seqid3 : ..... : 1700

      *      1720      *      1740      *
Seqid1 : TACCATTACAGGCAATAAAAGATATTGCTACAACCGGCAATAACAACAGCT : 1750
Seqid3 : ..... : 1750

      1760      *      1780      *      1800
Seqid1 : TGGATAGCAAAAAAGAAATTGCCTACAACGGTTGGTTTGGCGAGAAAGAT : 1800
Seqid3 : ..... : 1800

      *      1820      *      1840      *
Seqid1 : ACGACCAAAACGAACGGGCGGCTCAACCTTGTTTACCAGCCCGCCGCAGA : 1850
Seqid3 : ..... : 1850

      1860      *      1880      *      1900
Seqid1 : AGACCGCACCCCTGCTGCTTTCCGGCGGAACAAATTTAAACGGTAACATCA : 1900
Seqid3 : .....C..... : 1900

      *      1920      *      1940      *
Seqid1 : CGCAAACAAACGGCAAACCTGTTTTTCAGCGGCAGACCGACACCGCACGCC : 1950
Seqid3 : .....A..... : 1950
```

Figure 1F

```

                1960          *          1980          *          2000
Seqid1 : TACAATCATTTAGGAAGCGGGTGGTCAAAAATGGAAGGTATCCACAAGG : 2000
Seqid3 : .....AACGA.CAT....GC...AA..G..C..T...GC.. : 2000

                *          2020          *          2040          *
Seqid1 : AGAAATCGTGTGGGACAACGACTGGATCAACCGCACGTTTAAAGCGGAAA : 2050
Seqid3 : G.....A..... : 2050

                2060          *          2080          *          2100
Seqid1 : ATTTCCATATTTCAGGGCGGGCAGGCGGTGATTTCCCGCAATGTTGCCAAA : 2100
Seqid3 : .C....A..A.A....A.....G..... : 2100

                *          2120          *          2140          *
Seqid1 : GTGGAAGGCGATTGGCATTGAGCAATCACGCCCAAGCAGTTTTTGGTGT : 2150
Seqid3 : ...A..... : 2150

                2160          *          2180          *          2200
Seqid1 : CGCACCGCATCAAAGCCACACAATCTGTACACGTTCGGACTGGACGGGTC : 2200
Seqid3 : ..... : 2200

                *          2220          *          2240          *
Seqid1 : TGACAAATTGTGTCGAAAAAACCATTACCGACGATAAAGTGATTGCTTCA : 2250
Seqid3 : ..... : 2250

                2260          *          2280          *          2300
Seqid1 : TTGACTAAGACCGACATCAGCGGCAATGTCAGCCTTGCCGATCACGCTCA : 2300
Seqid3 : .....GAT..... : 2300

                *          2320          *          2340          *
Seqid1 : TTTAAATCTCACAGGGCTTGCCACACTCAACGGCAATCTTAGTGCAAATG : 2350
Seqid3 : ..... : 2350
```

Figure 1G

Seqid1 : GCGATACACGTTATACAGTCAGCCACAACGCCACCCAAAACGGCGACCTT : 2400
Seqid3 :A..... : 2400

Seqid1 : AGCCTCGTGGGCAATGCCCCAAGCAACATTTAATCAAGCCACATTAAACGG : 2450
Seqid3 : : 2450

Seqid1 : CAACACATCGGCTTCGGGCAATGCTTCATTTAATCTAAGCAACAACGCCG : 2500
Seqid3 :G..C..... : 2500

Seqid1 : TACAAAACGGCAGTCTGACGCTTTCCGGCAACGCTAAGGCAAACGTAAGC : 2550
Seqid3 : : 2550

Seqid1 : CATTCGCACTCAACGGTAATGTCTCCCTAGCCGATAAGGCAGTATTCCA : 2600
Seqid3 : : 2600

Seqid1 : TTTTGAAAGCAGCCGCTTTACCGGACAAATCAGCGGCAGCAAGGATACGG : 2650
Seqid3 :G..... : 2650

Seqid1 : CATTACACTTAAAAGACAGCGAATGGACGCTGCCGTCAGGCACGGAATTA : 2700
Seqid3 : : 2700

Seqid1 : GGCAATTTAAACCTTGACAACGCCACCATTACACTCAATTCCGCCTATCG : 2750
Seqid3 : : 2750

Figure 1H

```

                2760          *          2780          *          2800
Seqid1 : CCACGATGCGGCAGGGGCGCAAACCGGCAGTGCGACAGATGCGCCGCGC- : 2799
Seqid3 : .....C : 2800

                *          2820          *          2840          *
Seqid1 : -----CGCCGTTGCGCGCCGTTCCCTATTATCCGTTACACCTCCGGCT : 2841
Seqid3 : GCCGTTTCG.....G..AA.. : 2850

                2860          *          2880          *          2900
Seqid1 : TCGGCAGAAATCCCATTTC AACACGCTGACGGTAAACGGCAAATTGAACGG : 2891
Seqid3 : ...T.....G..... : 2900

                *          2920          *          2940          *
Seqid1 : TCAGGGAACATTCCGCTTTATGTCGGAACCTCTTCGGCTACCGAAGCGACA : 2941
Seqid3 : .....C..... : 2950

                2960          *          2980          *          3000
Seqid1 : AATTGAAGCTGGCGGAAAGTTCCGAAGGCACTTACACCTTGGCGGTCAAC : 2991
Seqid3 : ..... : 3000

                *          3020          *          3040          *
Seqid1 : AATACCGGCAACGAACCCGTAAGCCTCGATCAATTGACGGTAGTGGAAGG : 3041
Seqid3 : .....T.C.....T..A..... : 3050

                3060          *          3080          *          3100
Seqid1 : GAAAGACAACAAACCGCTGTCCGAAAACCTTAATTTACCCCTGCAAAACG : 3091
Seqid3 : A.....T.....T..... : 3100

                *          3120          *          3140          *
Seqid1 : AACACGTCGATGCCGGCGCGTGGCGTTACCAACTCATCCGCAAAGACGGC : 3141
Seqid3 : ..... : 3150
```


Figure 1I

```

          3160          *          3180          *          3200
Seqid1 : GAGTTCCGCCTGCATAATCCGGTCAAAGAACAAGAGCTTTCCGACAAACT : 3191
Seqid3 : ..... : 3200

          *          3220          *          3240          *
Seqid1 : CGGCAAGGCAGAAGCCAAAAAACAGGCGGGAAAAAGACAACGCGCAAAGCC : 3241
Seqid3 : .....A..... : 3250

          3260          *          3280          *          3300
Seqid1 : TTGACGCGCTGATTGCGGCCGGGCGCGATGCCGTCGAAAAGACAGAAAGC : 3291
Seqid3 : ..... : 3300

          *          3320          *          3340          *
Seqid1 : GTTGCCGAACCGGCCCCGGCAGGCAGGCGGGGAAAATGTCGGCATTTATGCA : 3341
Seqid3 : ..... : 3350

          3360          *          3380          *          3400
Seqid1 : GGCGGAGGAAGAGAAAAAACGGGTGCAGGCGGATAAAGACACCGCCTTGG : 3391
Seqid3 : ..... : 3400

          *          3420          *          3440          *
Seqid1 : CGAAACAGCGCGAAGGGAAAAACCGGCCGGCTACCACCGCCTTCCCCCGC : 3441
Seqid3 : .....C.G..... : 3450

          3460          *          3480          *          3500
Seqid1 : GCCCGCCGCGCCCCGCCGGGATTTGCCGCAACCGCAGCCCCAACCGCAACC : 3491
Seqid3 : .....T...A.....G... : 3500

          *          3520          *          3540          *
Seqid1 : CCAACCGCAGCGCGACCTGATCAGCCGTTATGCCAATAGCGGTTTGAGTG : 3541
Seqid3 : ..... : 3550
```

Figure 1J

```

          3560          *          3580          *          3600
Seqid1 : AATTTTCCGCCACGCTCAACAGCGTTTTTCGCCGTACAGGACGAATTAGAC : 3591
Seqid3 : ..... : 3600

          *          3620          *          3640          *
Seqid1 : CGCGTATTTGCCGAAGACCGCCGCAACGCCGTTTGGACAAGCGGCATCCG : 3641
Seqid3 : .....A..... : 3650

          3660          *          3680          *          3700
Seqid1 : GGACACCAAACACTACCGTTTCGCAAGATTTCCGCGCCTACCGCCAACAAA : 3691
Seqid3 : ..... : 3700

          *          3720          *          3740          *
Seqid1 : CCGACCTGCGCCAAATCGGTATGCAGAAAAACCTCGGCAGCGGGCGCGTC : 3741
Seqid3 : ..... : 3750

          3760          *          3780          *          3800
Seqid1 : GGCATCCTGTTTTTCGCACAACCGGACCGAAAAACACCTTCGACGACGGCAT : 3791
Seqid3 : ..... : 3800

          *          3820          *          3840          *
Seqid1 : CGGCAACTCGGCACGGCTTGCCCCACGGCGCCGTTTTTCGGGCAATACGGCA : 3841
Seqid3 : ..... : 3850

          3860          *          3880          *          3900
Seqid1 : TCGGCAGGTTTCGACATCGGCATCAGCACGGGCGCGGGTTTTAGCAGCGGC : 3891
Seqid3 : ...A.....T.....G..... : 3900

          *          3920          *          3940          *
Seqid1 : AGTCTTTCAGACGACATCGGAAGCAAAATCCGCCGCCGCTGCTGCATTA : 3941
Seqid3 : ..C.....G.....G..... : 3950
```

Figure 1K

```

          3960          *          3980          *          4000
Seqid1 : CGGCATTTCAGGCACGATACCGCGCCGGTTTCGGCGGATTTCGGCATCGAAC : 3991
Seqid3 : ..... : 4000

          *          4020          *          4040          *
Seqid1 : CGCACATCGGCGCAACGCGCTATTTTCGTCCAAAAAGCGGATTACCGCTAC : 4041
Seqid3 : ..... : 4050

          4060          *          4080          *          4100
Seqid1 : GAAAACGTCAATATCGCCACCCCGGCCTTGCGTTCAACCGCTACCGCGC : 4091
Seqid3 : .....A..... : 4100

          *          4120          *          4140          *
Seqid1 : GGGCATTAAAGGCAGATTATTCATTCAAACCGGCGCAACACATTTCATCA : 4141
Seqid3 : ..... : 4150

          4160          *          4180          *          4200
Seqid1 : CGCCTTATTTGAGCCTGTCCTATACCGATGCCGCTTCGGGCAAAGTCCGA : 4191
Seqid3 : ..... : 4200

          *          4220          *          4240          *
Seqid1 : ACGCGCGTCAATACCGCCGTATTGGCTCAGGATTTTCGGCAAACCCGCAG : 4241
Seqid3 : ..A..... : 4250

          4260          *          4280          *          4300
Seqid1 : TGC GGAATGGGGCGTAAACGCCGAAATCAAAGGTTTCACGCTGTCCCTCC : 4291
Seqid3 : .....C..... : 4300

          *          4320          *          4340          *
Seqid1 : ACGCTGCCCGCCGCAAAGGCCCGCAACTGGAAGCGCAACACAGCGCGGGC : 4341
Seqid3 : ..... : 4350
```

Figure 1L

4360 *

Seqid1 : ATCAAATTAGGCTACCGCTGGTAA : 4365

Seqid3 : : 4374

Figure 2A

Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot, while a dash (-) indicates a nonexistent amino acid.

Seqid2 :	MKT	TDK	RTT	ET	HR	K	AP	K	T	G	R	I	R	F	S	P	A	L	A	I	C	L	S	F	G	I	L	P	Q	A	W	A	G	H	T	Y	F	G	I	N	:	50										
Seqid4 :																																						:	50												
Seqid2 :	Y	Q	Y	R	D	F	A	E	N	K	G	K	F	A	V	G	A	K	D	I	E	V	Y	N	K	K	G	E	L	V	G	K	S	M	T	K	A	P	M	I	D	F	S	V	V	S	R	N	G	:	100	
Seqid4 :																																						:	100												
Seqid2 :	V	A	A	L	V	G	D	Q	Y	I	V	S	V	A	H	N	G	G	Y	N	N	V	D	F	G	A	E	G	S	N	P	D	Q	H	R	F	S	Y	Q	I	V	K	R	N	N	Y	K	A	G	T	:	150
Seqid4 :R.....T.K.....																																						:	150												
Seqid2 :	N	G	H	P	Y	G	G	D	Y	H	M	P	R	L	H	K	F	V	T	D	A	E	P	V	E	M	T	S	Y	M	D	G	R	K	Y	I	D	Q	N	N	Y	P	D	R	V	R	I	G	A	G	:	200
Seqid4 :	K.....																																						:	200												
Seqid2 :	R	Q	Y	W	R	S	D	E	D	E	P	N	N	R	E	S	S	Y	H	I	A	S	A	Y	S	W	L	V	G	G	N	T	F	A	Q	N	G	S	G	G	T	V	N	L	G	S	E	K	I	:	250	
Seqid4 :																																						:	250												
Seqid2 :	K	H	S	P	Y	G	F	L	P	T	G	G	S	F	G	D	S	G	S	P	M	F	I	Y	D	A	Q	K	Q	K	W	L	I	N	G	V	L	Q	T	G	N	P	Y	I	G	K	S	N	G	F	:	300
Seqid4 :																																						:	300												
Seqid2 :	Q	L	V	R	K	D	W	F	Y	D	E	I	F	A	G	D	T	H	S	V	F	Y	E	P	H	Q	N	G	K	Y	T	F	H	D	N	N	N	G	T	G	K	I	N	A	K	H	E	H	N	S	:	350
Seqid4 :R.....S.N.D.....																																						:	350												

Figure 2B

```

          360          *          380          *          400
Seqid2 : LPNRLKTRTVQLFNVSLSETAREPVYHAAGGVNSYRPRLNNGENISFIDE : 400
Seqid4 : ..... : 400

          *          420          *          440          *
Seqid2 : GKGELILTSNINQGAGGLYFQGDFTVSPENNETWQGAGVHISEDSTVTWK : 450
Seqid4 : ..... : 450

          460          *          480          *          500
Seqid2 : VNGVANDRLSKIGKGTTLHVQAKGENQGSISVGDGKVILDQQADENNKKQA : 500
Seqid4 : .....T.....DKG.... : 500

          *          520          *          540          *
Seqid2 : FSEIGLVSGRGTVQLNADNQFNPDKLYFGFRGGRDLNNGHSLSFHRIQNT : 550
Seqid4 : ..... : 550

          560          *          580          *          600
Seqid2 : DEGAMIVNHNQDKESTVTITGNKDIATTGNMNSLDSKKEIAYNGWFGKED : 600
Seqid4 : ..... : 600

          *          620          *          640          *
Seqid2 : TTKTNGRNLNLVYQPAAEDRTL LLSGGTNLNGNITQTNGKLFFSGRPTPHA : 650
Seqid4 : ..... : 650

          660          *          680          *          700
Seqid2 : YNHLGSGWSKMEGIPQGEIVWDNDWINRTFKAENFHIQGGQAVISRNVAK : 700
Seqid4 : ...NDH..QK...R.....Q.K...V..... : 700

          *          720          *          740          *
Seqid2 : VEGDWHLNHAQAVFGVAPHQSHTICTRSDWTGLTNCVEKTITDDKVIAS : 750
Seqid4 : .K..... : 750
```

Figure 2C

```

              760          *          780          *          800
Seqid2 : LTKTDISGNVSLADHAHLNLTGLATLNGNLSANGDTRYTVSHNATQNGDL : 800
Seqid4 : .....D.....N. : 800

              *          820          *          840          *
Seqid2 : SLVGNAQATFNQATLNGNTSASGNASFNLSNNAVQNGSLTLSGNAKANVS : 850
Seqid4 : .....DH..... : 850

              860          *          880          *          900
Seqid2 : HSALNGNVSLADKAVFHFESSRFTGQISGSKDTALHLKDSEWTLPSGTEL : 900
Seqid4 : .....G..... : 900

              *          920          *          940          *
Seqid2 : GNLNLDNATITLNSAYRHDAAAGAQTGSA TDAPR---RRSRRSLLSVTPPA : 947
Seqid4 : .....RRS.....T : 950

              960          *          980          *          1000
Seqid2 : SAESHFNLT TVNGKLNGQGTFRFMSELF GYRSDKLKLAESSEGTYTLAVN : 997
Seqid4 : .V..R..... : 1000

              *          1020          *          1040          *
Seqid2 : NTGNEPVSLDQLTVVEGKDNKPLSENLNFTLQNEHVDAGAWRYQLIRKDG : 1047
Seqid4 : .....A..E.....F..... : 1050

              1060          *          1080          *          1100
Seqid2 : EFRLHNPVKEQELSDKLGKAEAKKQAGKDNAQSLDALIAAGRDAVEKTES : 1097
Seqid4 : .....E..... : 1100

              *          1120          *          1140          *
Seqid2 : VAEPARQAGGENVGIMQAEKKRVQADKDTALAKQREGKTRPATTAFFPR : 1147
Seqid4 : .....AE..... : 1150
```

Figure 2D

```

          1160          *          1180          *          1200
Seqid2 : ARRARRDLPPQPQPQPQPQQRDLISRYANSGLSEFSATLNSVFAVQDELD : 1197
Seqid4 : .....L..... : 1200

          *          1220          *          1240          *
Seqid2 : RVFAEDRRNAVWTSGIRDTKHYRSQDFRAYRQQTDLRQIGMQKNLGSGRV : 1247
Seqid4 : ....E..... : 1250

          1260          *          1280          *          1300
Seqid2 : GILFSHNRTENTFDDGIGNSARLAHGAVFGQYGIGRFDIGISTGAGFSSG : 1297
Seqid4 : .....D..Y....A..... : 1300

          *          1320          *          1340          *
Seqid2 : SLSDDIGSKIRRRVLHYGIQARYRAGFGGFGIEPHIGATRYFVQKADYRY : 1347
Seqid4 : ...G..G..... : 1350

          1360          *          1380          *          1400
Seqid2 : ENVNIATPGLAFNRYRAGIKADYSFKPAQHISITPYLSLSYTDAASGKVR : 1397
Seqid4 : ..... : 1400

          *          1420          *          1440          *
Seqid2 : TRVNTAVLAQDFGKTRSAEWGVNAEIKGFTLSLHAAAAKGPQLEAQHSAG : 1447
Seqid4 : ..... : 1450

Seqid2 : IKLGYRW : 1454
Seqid4 : ..... : 1457
```


Figure 3

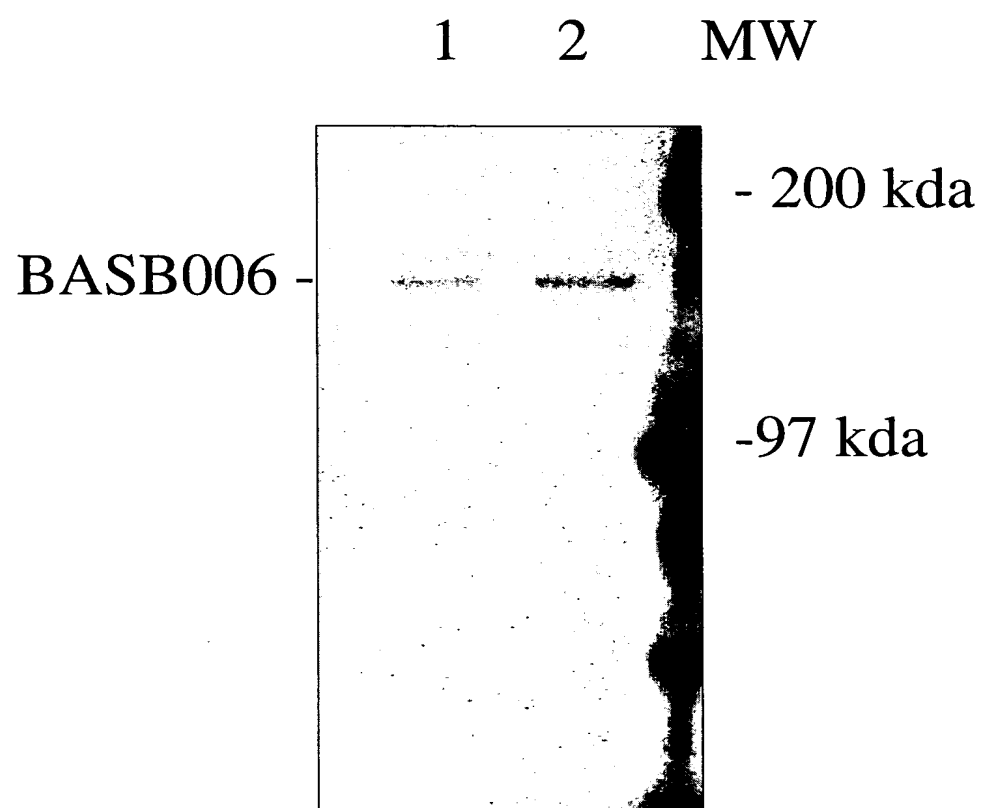
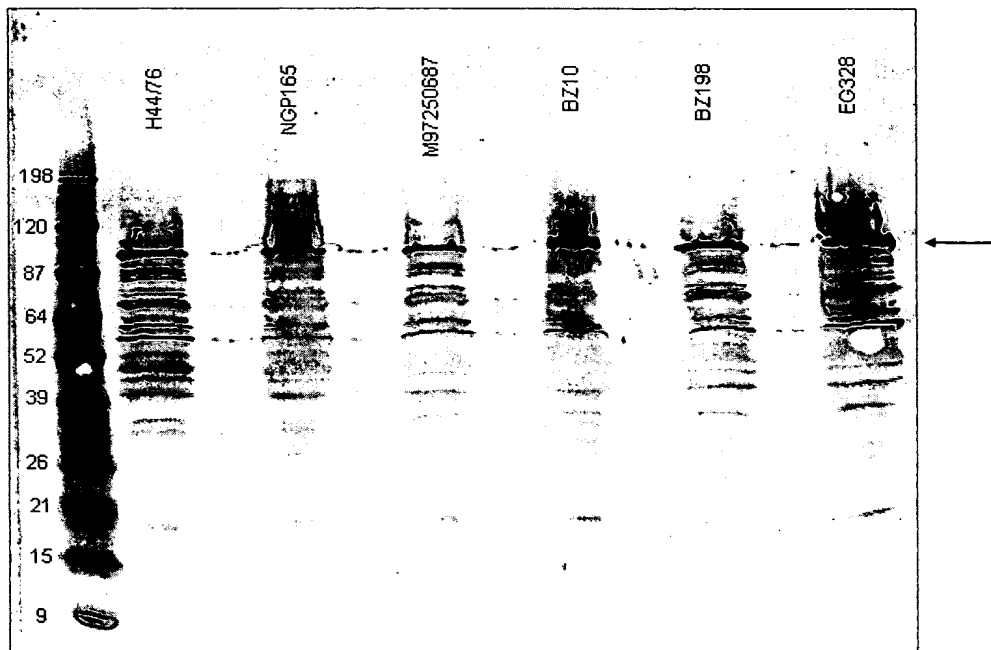


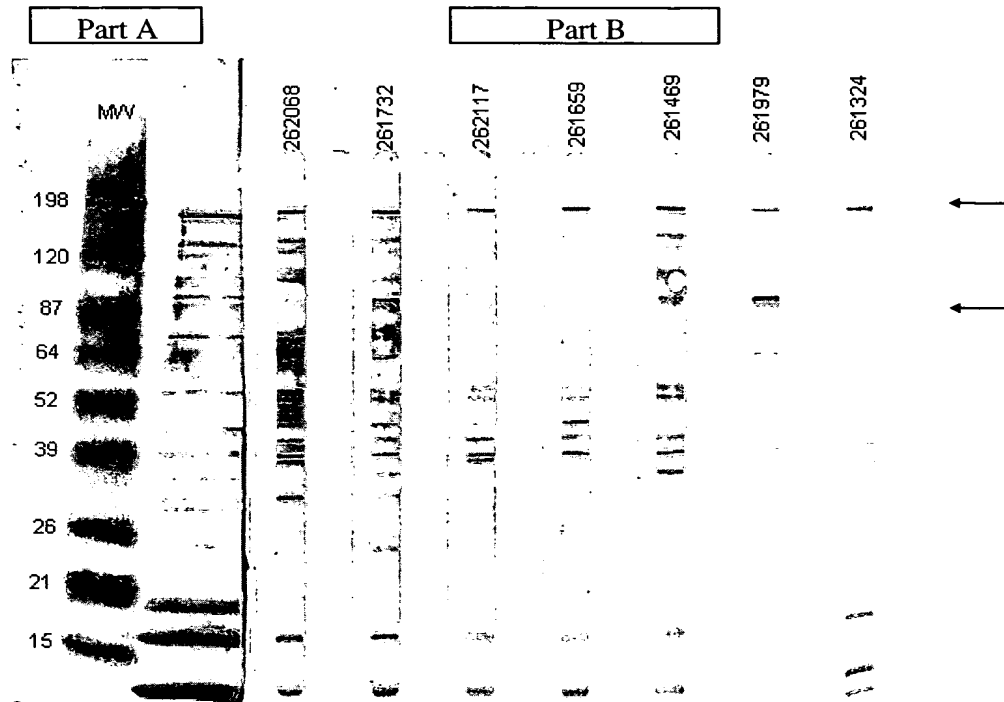
Figure 4



BEST AVAILABLE COPY

Figure 5

Anti-BASB006 antibodies in human convalescent sera (part B) and in immunized mice (part A).



BEST AVAILABLE COPY